



(11) Numéro de publication : **0 461 045 A1**

(12)

DEMANDE DE BREVET EUROPEEN

(21) Numéro de dépôt : **91401501.1**

(51) Int. Cl.⁵ : **C12Q 1/68, C12P 19/34,
C07H 21/04, // C12N15/11**

(22) Date de dépôt : **07.06.91**

(30) Priorité : **08.06.90 FR 9007192**

(43) Date de publication de la demande :
11.12.91 Bulletin 91/50

(84) Etats contractants désignés :
AT BE CH DE DK ES FR GB GR IT LI LU NL SE

(71) Demandeur : **INSTITUT PASTEUR**
25-28, rue du Docteur Roux
F-75724 Paris Cédex 15 (FR)

(72) Inventeur : **Guesdon, Jean-Luc**
33, Grande-Rue
F-92310 Sèvres (FR)
Inventeur : **Thierry, Dominique**
4 rue des Longs Prés
F-92100 Boulogne (FR)

(74) Mandataire : **Grosset-Fournier, Chantal**
Catherine et al
ERNEST GUTMANN-YVES PLASSERAUD S.A.,
67 boulevard Haussmann
F-75008 Paris (FR)

(54) **Détection spécifique du mycobacterium tuberculosis.**

(57) L'invention concerne un fragment d'acide nucléique dérivé du génome de Mycobacterium tuberculosis caractérisé en ce qu'il comporte une des séquences I, II, III et IV, définie de la façon suivante :

I : une séquence choisie parmi l'une des séquences A à H :

A : 5' - CCCGCGGCAAAGCCCCGAGGACCACGATCG - 3'

B : 5' - CGACCCGCCAGCCCAGGATCCTGCGAGCGT - 3'

C : 5' - GGCGGGTCCAGATGGCTTGCTCGATCGCGT - 3'

D : 5' - GTTGGCGGGTCCAGATGGCTTGCTCGATCG - 3'

E : 5' - TCAAAGGGTTTGACAAATTAATGATTGGTC - 3'

F : 5' - TCGTGACAAAATGTGGACAAGTA - 3'

G : 5' - TCGACGGACGTCGTGACCAGAAGTC - 3'

H : 5' - GTCGACACGCCTTCTGCACGGGAAGTCCTT - 3'

II : une séquence comportant au moins 10 bases consécutives de l'une des séquences A à F et ayant une longueur totale d'environ 20 à 40 bases ;

III : une séquence ayant une longueur de 20 à 40 bases qui hybride avec la séquence I ou avec la séquence II, et qui présente de préférence au moins 80 % d'homologie avec celles-ci ;

IV : une séquence complémentaire à l'une des séquences I, II ou III.

EP 0 461 045 A1

L'invention concerne une séquence d'acide nucléique spécifique du Mycobacterium tuberculosis, ainsi que des fragments particuliers de cette séquence aptes à jouer le rôle d'amorces nucléiques dans l'amplification d'ADN provenant de Mycobacterium dans un échantillon biologique. L'invention concerne également une méthode de détection de Mycobacterium tuberculosis dans un échantillon biologique, cette méthode mettant en oeuvre lesdites amorces nucléiques.

Les mycobactéries correspondent au genre Mycobacterium qui comprend au moins 54 espèces différentes.

Parmi celles-ci, environ 10 sont pathogènes ou opportunistes pour l'homme ou l'animal. M. tuberculosis est l'agent de la tuberculose.

Il est connu que cette maladie représente un problème majeur de Santé Publique ; en effet, il existe actuellement entre 15 et 60 millions d'individus atteints de tuberculose dans le monde et 2 à 3 millions de personnes meurent chaque année à cause de cette infection. Dans les pays développés, M. tuberculosis est la cause la plus commune des infections mycobactériennes. En France, il apparaît environ 10⁴ nouveaux cas de tuberculose par an. La vaccination par le BCG (Bacille de Calmette et Guérin, une souche atténuée de M. bovis) est loin d'être efficace au sein de toutes les populations. Cette efficacité varie environ de 80 % dans les pays occidentaux comme l'Angleterre à 0 % en Inde (résultats du dernier essai de vaccination à Chingleput). De plus, l'apparition de souches de M. tuberculosis résistantes aux antituberculeux usuels et l'existence d'une corrélation entre tuberculose et SIDA ajoute à l'urgence de mettre au point une méthode rapide de détection et d'identification des mycobactéries.

Par exemple, une étude épidémiologique réalisée en Floride a montré que 10 % des malades atteints de SIDA sont atteints de tuberculose au moment du diagnostic du SIDA ou 18 mois avant celui-ci. Chez ces malades, la tuberculose apparaît dans 60 % des cas sous une forme disséminée donc non repérable par les critères de diagnostic classiques comme la radiographie pulmonaire ou l'analyse de crachats.

Enfin, le diagnostic de la tuberculose et des autres mycobactérioses apparentées est difficile à réaliser pour différentes raisons : les maladies pulmonaires causées par différentes mycobactéries ne peuvent pas être distinguées cliniquement, radiologiquement ou histologiquement ; les mycobactéries sont souvent présentes en faible quantité et lorsqu'elles sont en quantité détectable par les méthodes classiquement utilisées, la maladie est déjà en évolution et les malades sont contagieux pour leur entourage ; de plus, en raison du temps de génération très long de ces bactéries (24 h pour M. tuberculosis comparé à 20 min pour E. coli), la culture de ces organismes est difficile. Ainsi faut-il 6 à 8 semaines pour identifier les germes et davantage pour obtenir un antibiogramme utilisable pour le traitement adéquat des malades. La nécessité d'un test de détection n'exigeant pas de culture des germes et directement utilisable avec les échantillons pathologiques, même lorsque les germes y sont présents à de faibles concentrations, est donc indispensable.

Plusieurs techniques sont actuellement utilisées en clinique pour identifier une infection mycobactérienne.

Il faut tout d'abord citer la détection directe des microorganismes au microscope ; cette technique est rapide mais ne permet pas l'identification de l'espèce mycobactérienne observée et manque de sensibilité dans la mesure où un grand nombre de microorganismes doit être présent dans l'échantillon (>10⁴/ml) pour permettre une détection fiable (BATES J., CHEST, 1979, 76, (suppl.), 757-763).

Les cultures, lorsqu'elles sont positives, ont une spécificité approchant 100 % et permettent l'identification de l'espèce mycobactérienne isolée ; néanmoins, comme précisé ci-dessus, la croissance des mycobactéries in vitro ne peut être réalisée qu'en 3 à 6 semaines et lorsque peu de mycobactéries sont présentes au site de l'infection, des cultures répétées sont nécessaires pour s'assurer d'un résultat positif (BATES J., 1979 et BATES J. et al., Am. Rev. Respir. Dis., 1986, 134, 415-417).

Les techniques sérologiques peuvent s'avérer utiles dans certaines conditions mais leur utilisation est limitée par leur sensibilité et/ou leur spécificité faibles (DANIEL T.M. et al., Am. Rev. Respir. Dis., 1987, 135, 1137-1151).

La présence ou l'absence de mycobactéries peut également être déterminée par hybridation avec de l'ADN ou de l'ARN en utilisant des sondes spécifiques des séquences d'ADN (KIEHN T.E. et al., J. Clin. Microbiol., 1987, 25, 1551-1552 ; ROBERTS M.C. et al., J. Clin. Microbiol., 1987, 25, 1239-1243 ; DRAKE T.A. et al., J. Clin. Microbiol., 1987, 25, 1442-1445). Cependant, ces méthodes reposent sur le polymorphisme des séquences nucléotidiques des fragments utilisés ou sur le polymorphisme des régions avoisinantes et nécessitent également la culture des microorganismes.

THIERRY et al. (Nucl. Acid Res., Vol. 18 n° 1, p 188) ont décrit une séquence spécifique du complexe Mycobacterium tuberculosis et nommée IS 6110. Les auteurs proposent d'utiliser cette séquence comme sonde nucléique dans la détection de Mycobacterium tuberculosis.

Cependant, les quantités d'ADN mycobactérien présentes dans la plupart des échantillons biologiques sont insuffisantes pour donner un signal positif ; la technique d'hybridation par sonde nucléique s'est donc révélée inadaptée à l'identification d'ADN mycobactérien extrait directement d'échantillons biologiques.

Certains auteurs ont proposé, pour surmonter ce problème, d'amplifier spécifiquement l'ADN provenant du mycobactérium en utilisant des amorces nucléiques dans une méthode d'amplification telle que la réaction de polymérase en chaîne (P.C.R.). PATEL et al. (J. Clin., Microbiol., Mar. 1990, 513-518) ont décrit l'utilisation de plusieurs amorces nucléiques choisies à partir d'une séquence connue en tant que sonde dans l'identification de M. tuberculosis. Cependant, la longueur des fragments obtenue en utilisant ces amorces était différente de la longueur théorique attendue, et plusieurs fragments de taille variable étaient obtenus. De plus, les auteurs ont observé l'absence d'hybridation des produits amplifiés avec le plasmide ayant servi à déterminer les amorces. Ces résultats indiquent que ces amorces ne seraient pas appropriées dans la détection de la présence de M. tuberculosis dans un échantillon biologique et confirment la nature critique du choix des amorces.

L'objet de la présente invention est de fournir une méthode de détection de M. tuberculosis qui est à la fois spécifique, sensible et fiable, et qui ne nécessite pas de culture préalable des mycobactéries. L'invention concerne un fragment d'acide nucléique dérivé du génome de Mycobacterium tuberculosis caractérisé en ce qu'il comporte une des séquences I, II, III et IV, définie de la façon suivante :

I : une séquence choisie parmi l'une des séquences A à H :

A : 5' - CCCGCGGCAAAGCCCGCAGGACCACGATCG - 3'

B : 5' - CGACCCGCCAGCCAGGATCCTGCGAGCGT - 3'

C : 5' - GCGGGGTCCAGATGGCTTGCTCGATCGCGT - 3'

D : 5' - GTTGCGGGTCCAGATGGCTTGCTCGATCG - 3'

E : 5' - TCAAAGGGTTTGACAAATTAATGATTGGTC - 3'

F : 5' - TCGTGACAAAATGTGGACAAGTA - 3'

G : 5' - TCGACGGACGTCGTGACCAGAAGTC - 3'

H : 5' - GTCGACACGCCCTTCTGCACGGGAAGTCCTT - 3'

II : une séquence comportant au moins 10 bases consécutives de l'une des séquences A à H et ayant une longueur totale d'environ 20 à 40 bases ;

III : une séquence ayant une longueur de 20 à 40 bases qui hybride avec la séquence I ou avec la séquence II, et qui présente de préférence au moins 80 % d'homologie avec celles-ci ;

IV : une séquence complémentaire à l'une des séquences I, II ou III.

L'invention concerne également un couple de fragments d'acide nucléique dérivés du génome de Mycobacterium tuberculosis et aptes à jouer le rôle d'amorces nucléiques dans l'amplification de l'ADN provenant dudit Mycobacterium dans un échantillon biologique, caractérisé en ce qu'il est constitué de deux séquences sélectionnées parmi les séquences I à IV selon la revendication 1.

Les inventeurs ont identifié cette série de fragments d'acide nucléique apte à jouer le rôle d'amorces à partir de la séquence IS 6110 (Nucl. Acid. Res. Vol 18 n° 1, 1990) et des séquences qui jouxtent la séquence IS 6110 dans le génome du M. tuberculosis. Ces dernières ont été identifiées dans le cadre de cette invention par les inventeurs. La séquence IS 6110 décrite dans Nucl. Acid., Res., Vol. 18 n° 1, 1990, fait partie de la séquence indiquée dans la figure 6. Plus particulièrement, la séquence IS 6110 s'étend des bases 327 à 1687 de la séquence de la figure 6.

Les amorces de l'invention présentent des caractéristiques essentielles pour permettre leur utilisation dans l'amplification sélective d'ADN de M. tuberculosis, à savoir l'absence d'homologie avec le génome humain et l'absence d'amplification de séquences apparentées et susceptibles d'être présentes dans l'échantillon biologique (par exemple la séquence d'E. coli IS 3411). De plus, les inventeurs ont constaté que les résultats obtenus en utilisant les amorces de l'invention sont très fiables dans la mesure où la longueur des fragments obtenus correspond à la longueur théorique attendue et sont d'une longueur constante et non pas variable. Ceci est vrai même pour les couples d'amorces qui conduisent à l'amplification de fragments très longs (de l'ordre de 1000 à 1500 bases) où le risque d'interruption de la polymérisation est très élevé en raison des effets de la structure secondaire de la séquence.

En outre, une vérification des produits d'amplification par hybridation d'une sonde nucléique contenant la séquence indiquée dans la figure 6 ou un fragment de cette séquence confirme la fiabilité de la méthode. Ces résultats n'étaient pas prévisibles.

A partir de la séquence IS 6110, il serait possible de préparer un grand nombre d'amorces nucléiques, cependant peu d'entre elles seraient efficaces et/ou spécifiques.

La figure 6 illustre les positions des amorces A à H par rapport à la séquence entière.

La figure 7 montre la carte de restriction de la séquence de la figure 6.

Selon un mode de réalisation de l'invention, le couple d'amorces est choisi, parmi les séquences I à IV, de façon à ce que le produit d'amplification ait une longueur entre 100 et 300 nucléotides environ, par exemple entre 100 et 200 environ. Des couples dont l'amorce positive est constituée de la séquence A et l'amorce négative est constituée de l'une des séquences B, C et D, sont particulièrement préférés. Un autre couple d'amorces particulièrement préféré est celui dont l'amorce positive est constituée de la séquence H et l'amorce négative

est constituée de la séquence complémentaire à la séquence G.

Les amorces de l'invention peuvent aussi être constituées d'une séquence II qui a une longueur de 20 à 40 bases et qui comporte au moins 10 bases consécutives de l'une des séquences A à H. Comme exemple de ce type d'amorce, on peut citer des fragments de l'une des séquences A à H ayant entre 20 et 30 bases, ou encore, l'une des séquences A à H à laquelle ont été rajoutés des linkers, par exemple un linker EcoRI, GAAT. Il est particulièrement préféré d'utiliser des amorces dont les 5 premiers nucléotides côté 3' sont 100 % homologues à ceux présents dans la partie correspondante de la séquence à amplifier.

Il est également possible d'utiliser comme amorce une séquence III ayant une longueur de 20 à 40 bases qui hybride dans des conditions stringentes avec la séquence I ou II. Ce type de séquence présente en général au moins 80 % d'homologie avec la séquence à laquelle elle s'hybride. De cette manière, il est possible de substituer certaines bases des séquences A à H avec d'autres bases ou de rajouter des bases aux extrémités des séquences A à H. Les conditions stringentes sont celles normalement utilisées dans l'art.

L'invention concerne aussi des séquences IV qui sont des séquences complémentaires à l'une des séquences I, II ou III, par exemple complémentaires à l'une des séquences A à H.

L'invention concerne également une méthode de détection de la présence de Mycobacterium tuberculosis dans un échantillon biologique, caractérisée par les étapes suivantes :

i) mise en contact de l'échantillon biologique avec un couple de fragments d'acide nucléique, dits amorces, selon l'invention, l'ADN contenu dans l'échantillon ayant été, le cas échéant, préalablement rendu accessible à l'hybridation et dans des conditions permettant une hybridation des amorces à l'ADN de Mycobacterium tuberculosis ;

ii) amplification de l'ADN de Mycobacterium tuberculosis ;

iii) mise en évidence de l'amplification de fragments d'ADN correspondant au fragment encadré par les amorces, par exemple par électrophorèse sur gel ;

iv) vérification éventuelle de la séquence du fragment amplifié, par exemple par hybridation de sonde spécifique, par séquençage ou par analyse de site de restriction.

L'échantillon biologique peut être n'importe quel échantillon susceptible de contenir du M. tuberculosis, par exemple des crachats, de l'urine, du sang. Normalement, les échantillons subissent un traitement afin d'extraire l'ADN et de le rendre accessible à l'hybridation. Ces traitements sont connus dans l'art.

Les conditions appliquées lors de l'amplification peuvent être les suivantes :

30	1er cycle :	i)	environ 94°C	5 minutes) 1 X
		ii)	" 60°C	1 minute)
35	cycles :	i)	" 94°C	15 secondes) 20 à
	suivants	ii)	" 60°C	1 minute) 40 X
	dernier :	i)	" 94°C	15 secondes) 1 X
40	cycle	ii)	" 60°C	5 minutes)

La mise en évidence de l'amplification peut être effectuée par électrophorèse sur gel, par exemple sur gel d'agarose coloré au bromure d'éthidium. Après avoir effectué l'amplification, il est possible, dans le cadre de l'invention, de vérifier la séquence du fragment amplifié par exemple par hybridation de sonde nucléique, ladite sonde comprenant au moins une partie de la séquence. De telles sondes sont des plasmides pMT01, contenant les bases 1 à 1152 de la séquence de la figure 6 et le plasmide pMT02, contenant les bases 309 à 1219 de ladite séquence. D'autres sondes appropriées seraient toute sonde ayant une longueur d'au moins 20 bases, capable de s'hybrider dans des conditions stringentes avec une partie de la séquence IS 6110 se trouvant entre les deux amorces choisies. Des sondes particulièrement préférées sont les séquences J, K, L, M suivantes :

	J :	5' - CTGATCCGGCCACAGCCCGTCCCGCCGATC - 3'
	K :	5' - AGGCGTCGGTGACAAAGGCCACGTAGGCCGA - 3'
55	L :	5' - CGAGGACCATGGAGGTGGCCATCGTGGAAG - 3'
	M :	5' - TGCCCTCATTGGCAACGTTTGCGCCCTGCC - 3'

Les conditions d'hybridation appliquées lors d'une telle vérification pourraient être les suivantes :

hybridation : environ 65 à 68°C - 6 x SSC

10 % dextran

sulfate

5 x Denhardt's

10 mM EDTA

0.5 % SDA

100 µg/ml d'ADN

de sperme de

saumon

lavage : environ 65°C - 2 x SSC (deux

FOIS 10 min)

2xSSC+0.1% SDS

(une fois 30mn)

0.1 x SSC (une

fois 10 min)

1 x SSC correspond à 0.15 M NaCl et 0.05 M citrate de Na et une solution 1 x Denhardt's correspond à 0.02 % Ficoll, 0.02 % de polyvinylpyrrolidone et 0.02 % de sérum albumine bovine.

D'autres moyens de vérifier les produits d'amplification consiste en le séquençage direct du fragment ou une analyse par site de restriction. Toutefois, cette vérification n'est pas une étape obligatoire de la méthode, les amorces de l'invention conduisant à une amplification très fidèle de la séquence.

Il est à noter que l'amplification selon l'invention est spécifique de l'ADN du complexe Mycobacterium tuberculosis (voir par exemple figures 1A et B). L'amplification observée avec l'ADN de M. bovis-BCG, M. bovis et M. microti ne diminue pas l'intérêt de la méthode dans la mesure où ces mycobactéries ne sont pas susceptibles d'être présentes dans l'échantillon d'origine humaine. M. Bovis est responsable de la tuberculose chez les bovins et M. Microti est l'agent causal de la tuberculose des rongeurs. Les amorces de l'invention ne conduisent à aucune amplification d'ADN issu d'autres types de Mycobacteria tels que M. fortuitum, M. gordonae, M. avium, etc...

En outre, les amorces de l'invention n'amplifient pas d'ADN d'origine humaine ou bactérienne (par exemple E. Coli). Ceci est illustré dans la figure 2.

L'invention concerne également un kit ou nécessaire pour la détection de la présence de Mycobacterium tuberculosis dans un échantillon biologique, caractérisé en ce qu'il comporte les éléments suivants :

- un couple de fragments d'acide nucléique selon l'une quelconque des revendications 1 à 5 ;
- les réactifs nécessaires pour effectuer une amplification d'ADN ;
- éventuellement un composant permettant de vérifier la séquence du fragment amplifié, plus particulièrement une sonde nucléique selon l'une quelconque des revendications 8 à 10.

L'invention concerne en outre la séquence entière illustrée dans la figure 6. Les inventeurs ont constaté que cette séquence contient deux cadres ouverts de lecture dont un ressemble à un gène codant pour un transposase.

L'invention sera illustrée par les exemples non-limitatifs suivants.

EXEMPLES

Exemple 1 : sélection et synthèse des couples d'amorces oligonucléotidiques

A partir de la séquence complète illustrée dans la figure 6, plusieurs couples d'amorces oligonucléotidiques ont été sélectionnés et synthétisés. Ces couples d'amorces sont illustrés ci-dessous. Pour certains de ces couples d'amorces, les séquences des sondes oligonucléotidiques susceptibles d'être utilisées pour détecter les produits d'amplification sont indiquées :

couple d'amorces n°1

5 amorce positive : 5' - CCCGCGGCAAAGCCCGCAGGACCACGATCG - 3'

amorce négative : 5' - CGACCCGCCAGCCCAGGATCCTGCGAGCGT - 3'

10 longueur du fragment amplifié hors amorces : 141

sondes du couple n°1

1) 5' - CTGATCCGGCCACAGCCCGTCCCGCCGATC - 3'

15 2) 5' - AGGCGTCGGTGACAAAGGCCACGTAGGCCGA - 3'

couple d'amorces n°2

20 amorce positive : 5' - CCCGCGGCAAAGCCCGCAGGACCACGATCG - 3'

amorce négative : 5' - GGCGGGTCCAGATGGCTTGCTCGATCGCGT - 3'

25 longueur du fragment amplifié hors amorces : 201

sondes du couple n°2

30 1) 5' - CTGATCCGGCCACAGCCCGTCCCGCCGATC - 3'

2) 5' - CGAGGACCATGGAGGTGGCCATCGTGGAAG - 3'

35 couple d'amorces n°3

amorce positive : 5' - CCCGCGGCAAAGCCCGCAGGACCACGATCG - 3'

40 amorce négative : 5' - GTTGGCGGGTCCAGATGGCTTGCTCGATCG - 3'

longueur du fragment amplifié hors amorces : 204

45 sondes du couple n°3

1) 5' - CTGATCCGGCCACAGCCCGTCCCGCCGATC - 3'

50 2) 5' - CGTCGAGGACCATGGAGGTGGCCATCGTGG -

55

couple d'amorces n° 9

5 amorce positive : 5'-GTCGACACGCCTTCTGCACG GGAAGTCCTT-3'

amorce négative : 5'-GACTTCTGGTCACGACGTCCGTCGAA-3'

10 longueur du fragment amplifié hors amorces : 219

sonde du couple n°9

5'-TGCCCTCATTGGCAACGTTTGCGCCCTGCC-3'

15

Exemple 2 : vérification de la spécificité des amorces par rapport à d'autres types de Mycobactéries.

20 La spécificité des amorces a été vérifiée en utilisant de l'ADN de différentes espèces bactériennes appartenant au genre Mycobacterium.

L'ADN total provenant d'échantillons de différents types le Mycobacteria est soumis à une amplification par la technique de "Polymerase Chain Reaction" (P.C.R.) en utilisant le couple d'amorces n° 1 indiqué dans l'exemple 1.

Les paramètres des étapes de P.C.R. ont été choisis de la façon suivante :

25

1er cycle :	i)	94°C	5 minutes) 1 X
	ii)	60°C	1 minute)

30

cycles :	i)	94°C	15 secondes) 20 à
suivants	ii)	60°C	1 minute) 40 X

35

dernier :	i)	94°C	15 secondes) 1 X
cycle	ii)	60°C	5 minutes)

Les produits d'amplification sont analysés par électrophorèse en gel d'agarose et coloration au bromure d'éthidium.

40

La figure 1A montre les résultats. Les voies indiquées dans la figure 1A correspondent aux échantillons suivants :

45

- | | |
|--------------------------------------|-------------------------------|
| 1- Marqueurs de taille | 7- <u>M. gordonae</u> |
| 2- <u>Mycobacterium tuberculosis</u> | 8- <u>M. intracellulæ</u> |
| 3- <u>M. bovis-BCG</u> | 9- <u>M. paratuberculosis</u> |
| 4- <u>M. bovis</u> | 10- <u>M. scrofulaceum</u> |
| 5- <u>M. microti</u> | 11- <u>M. avium</u> |
| 50 6- <u>M. fortuitum</u> | 12- tampon TE |

La figure 1B montre les résultats obtenus lorsque le plasmide pMT02 (marqué par l'AAF selon Kourilsky et al, demande de brevet français 8124131) a été utilisé comme sonde sur les produits d'amplification obtenus dans cet exemple. La construction du plasmide pMT02 est décrit dans l'exemple 6.

55

Exemple 3 : vérification de la spécificité des amorces par rapport à de l'ADN provenant d'Escherichia Coli ou de cellules humaines

L'ADN humain peut contaminer les échantillons à analyser. La technique d'amplification décrite dans l'exemple 2 est appliquée à des échantillons d'ADN total en présence du couple d'amorce n° 1.

Les produits d'amplifications sont analysés par électrophorèse en gel d'agarose et coloration au bromure d'éthidium. La figure 2 montre les résultats, les différentes voies correspondant aux échantillons suivants :

- 1- Mycobacterium tuberculosis
- 2- ADN humain
- 10 3- Mycobacterium tuberculosis + ADN humain
- 4- ADN d'Escherichia coli
- 5- tampon TE

Exemple 4 : utilisation des amorces sur des ADN d'échantillons biologiques

15 10 µl des échantillons amplifiés provenant d'expectoration de malades de la tuberculose sont déposés sur un gel d'agarose à 2 % dans un tampon TAE (0.04M Tris-acétate, 0.001M EDTA) et 1 µg/ml EtBr.

L'amplification est réalisée par la technique de polymérase chain reaction (P.C.R.) selon Saiki et al (Science, 1988, 239, 487-491) en utilisant 12.5 pmoles des oligonucléotides (couple d'amorces n° 1) et l'ADN d'échantillons biologiques avec 2 U de Taq polymérase dans un tampon 50mM KC1, 10mM Tris-HCl pH8.3, 2.4mM MgCl₂, 300 µM de désoxyribonucléotides et 100 µg/ml de gélatine. Le volume final de la réaction est de 100 µl. Les paramètres des étapes de P.C.R. ont été choisis de la façon suivante : 1 mn à 94°C, 1 mn à 50°C, 1 mn à 72°C ceci pendant 40 cycles.

La figure 3 montre les résultats de l'analyse sur gel d'agarose après P.C.R. de ces échantillons. Les voies 25 1 à 11 correspondent à des échantillons biologiques provenant de 11 personnes différentes. Ces résultats étaient vérifiés par lecture directe au microscope et confirmaient les résultats obtenus par amplification: échantillons biologiques négatifs en lecture directe : lignes 1-3-4-5-6-9-10 ; échantillons biologiques positifs en lecture directe : lignes 2-7-8-11 ; les bandes amplifiées sont visualisées sous UV.

30 Exemple 5 : analyse sur gel d'agarose d'ADN M. tuberculosis amplifié avec différents couples d'oligonucléotides.

10 µl des échantillons amplifiés sont déposés sur un gel d'agarose à 2 %. L'amplification est réalisée selon la technique déjà décrite en utilisant plusieurs couples d'amorces décrits dans l'exemple 1. La figure 4 montre ces résultats :

- ligne 1 : couple d'amorce n° 8
- ligne 2 : couple d'amorce n° 7
- ligne 3 : couple d'amorce n° 6
- 40 ligne 4 : couple d'amorce n° 5
- ligne 5 : couple d'amorce n° 4
- ligne 6 : couple d'amorce n° 2
- ligne 7 : couple d'amorce n° 1
- ligne 8 : contrôle négatif

45 M = marqueur

Les bandes amplifiées sont visualisées sous UV.

Ces résultats confirment que les fragments amplifiés sont d'une longueur correspondant à la longueur théorique, calculée à partir de la distance entre chaque amorce. Il est surprenant que malgré l'utilisation de certains couples d'amorces conduisant à l'amplification de fragments très longs, aucune interruption de la polymérisation résultant d'une structure secondaire de la séquence n'est observée.

50 Les résultats étaient vérifiés par hybridation avec le plasmide pMT01 (CNCM I-900 déposé le 25/8/89) qui contient les bases 1 à 1152 de la séquence illustrée dans la figure 6.

Exemple 6 : construction du plasmide pMT02

55 Le plasmide pMT02 a été construit par clonage dans le vecteur pUC18 d'un fragment de 900 paires de bases Hind III/Bam HI issus de la séquence IS 6110 (fragment qui correspond aux bases 309 à 1219 de la séquence illustrée dans la figure 6).

Le plasmide pMT02 peut servir de sonde lors de la vérification des séquences amplifiées. La spécificité de pMT02 a été déterminée par Southern blot après digestion complète de différents ADN mycobactériens par Bam HI.

Les résultats sont indiqués dans la figure 5.

5 Les différentes voies de la figure 5 ont les significations suivantes :

- | | | |
|----|-------------------------------|----------------|
| | 1- <u>M. tuberculosis</u> |) |
| | 2- <u>M. bovis-BCG</u> |) complexe |
| 10 | 3- <u>M. bovis</u> |) tuberculosis |
| | 4- <u>M. microti</u> |) |
| | 5- <u>M. paratuberculosis</u> |) |
| 15 | 6- <u>M. intracellulæ</u> |) complexe |
| | 7- <u>M. scrofulaceum</u> |) avium |
| | 8- <u>M. avium</u> |) |
| 20 | | |

Revendications

- 25 1. Fragment d'acide nucléique dérivé du génome de Mycobacterium tuberculosis caractérisé en ce qu'il comporte une des séquences I, II, III et IV, définie de la façon suivante :
- I : une séquence choisie parmi l'une des séquences A à H :
- 30 A : 5' - CCCGCGGCAAAGCCCCGAGGACACGATCG - 3'
- B : 5' - CGACCCGCCAGCCCAGGATCCTGCGAGCGT - 3'
- C : 5' - GGCGGGTCCAGATGGCTTGCTCGATCGCGT - 3'
- D : 5' - GTTGGCGGGTCCAGATGGCTTGCTCGATCG - 3'
- E : 5' - TCAAAGGGTTTGACAAATTAATGATTGGTC - 3'
- F : 5' - TCGTGTACAAAATGTGGACAAGTA - 3'
- 35 G : 5' - TCGACGGACGTCGTGACCAGAAGTC - 3'
- H : 5' - GTCGACACGCCTTCTGCACGGGAAGTCCTT - 3'
- II : une séquence comportant au moins 10 bases consécutives de l'une des séquences A à H et ayant une longueur totale d'environ 20 à 40 bases ;
- 40 III : une séquence ayant une longueur de 20 à 40 bases qui hybride avec la séquence I ou avec la séquence II, et qui présente de préférence au moins 80 % d'homologie avec celles-ci ;
- IV : une séquence complémentaire à l'une des séquences I, II ou III.
- 45 2. Couple de fragments d'acide nucléique dérivés du génome de Mycobacterium tuberculosis et aptes à jouer le rôle d'amorces nucléiques dans l'amplification de l'ADN provenant dudit Mycobacterium dans un échantillon biologique, caractérisé en ce qu'il est constitué de deux séquences sélectionnées parmi les séquences I à IV selon la revendication 1.
3. Couple de fragments selon la revendication 2 caractérisé en ce qu'au moins un des membres du couple est constitué par une séquence appartenant au groupe I.
- 50 4. Couple de fragments selon la revendication 2 ou 3, caractérisé en ce qu'il est constitué d'une part de l'une des séquences A ou G, et, d'autre part, de l'une des séquences B, C, D, E, F ou encore de la séquence H et la séquence complémentaire à la séquence G.
- 55 5. Couple de fragments selon la revendication 4 caractérisé en ce qu'il est constitué d'une part de la séquence A et, d'autre part, de l'une des séquences B, C, D.
6. Méthode de détection de la présence de Mycobacterium tuberculosis dans un échantillon biologique,

caractérisée par les étapes suivantes :

- i) mise en contact de l'échantillon biologique avec une couple de fragments d'acide nucléique, dits amorces, selon l'une quelconque des revendications 1 à 5, l'ADN contenu dans l'échantillon ayant été, le cas échéant, préalablement rendu accessible à l'hybridation et dans des conditions permettant une hybridation des amorces à l'ADN de Mycobacterium tuberculosis ;
- ii) amplification de l'ADN de Mycobacterium tuberculosis ;
- iii) mise en évidence de l'amplification de fragments d'ADN correspondant au fragment encadré par les amorces, par exemple par électrophorèse sur gel ;
- iv) vérification éventuelle de la séquence du fragment amplifié, par exemple par hybridation de sonde spécifique, par séquençage ou par analyse de site de restriction.

7. Méthode de détection selon la revendication 6 caractérisée en ce que les conditions appliquées lors de l'amplification de l'ADN sont les suivantes :

15	1er cycle :	i)	environ 94 °C	5 minutes) 1 X
		ii)	" 60 °C	1 minute)
	cycles :	i)	" 94 °C	15 secondes) 20 à
20	suivants	ii)	" 60 °C	1 minute) 40 X
	dernier :	i)	" 94 °C	15 secondes) 1 X
25	cycle	ii)	" 60 °C	5 minutes)

8. Sonde nucléique apte à détecter par hybridation la présence d'ADN spécifique du Mycobacterium tuberculosis dans un échantillon biologique et, en particulier, de vérifier les produits d'amplification résultant du procédé de détection selon l'une quelconque des revendications 6 ou 7, caractérisée en ce qu'elle comporte une séquence ayant une longueur d'au moins 20 bases capable de s'hybrider avec une partie de la séquence IS 6110 se situant entre les deux amorces nucléiques.

9. Sonde nucléique selon la revendication 8 caractérisée en ce qu'elle comporte au moins 20 bases consécutifs de l'une des séquences J, K, L ou M suivantes :

35 J : 5' - CTGATCCGGCCACAGCCCGTCCCGCCGATC - 3'
 K : 5' - AGGCGTCGGTGACAAAGGCCACGTAGGCGA - 3'
 L : 5' - CGAGGACCATGGAGGTGGCCATCGTGGAAG - 3'
 M : 5' - TGCCCTCATTGGCAACGTTTGCGCCCTGCC - 3'

40 10. Sonde nucléique selon la revendication 8 caractérisée en ce qu'elle est constituée du plasmide pMT02, contenant les bases 309 à 1219 de la séquence IS 6110.

11. Kit ou nécessaire pour la détection de la présence de Mycobacterium tuberculosis dans un échantillon biologique, caractérisé en ce qu'il comporte les éléments suivants :

- un couple de fragments d'acide nucléique selon l'une quelconque des revendications 1 à 5 ;
- les réactifs nécessaires pour effectuer une amplification d'ADN ;
- éventuellement un composant permettant de vérifier la séquence du fragment amplifié, plus particulièrement une sonde nucléique selon l'une quelconque des revendications 8 à 10.

50 12. Séquence d'acide nucléique, spécifique du Mycobacterium tuberculosis ayant la séquence :

	10	20	30	40	50	60
	GTCGACACGC	CTTCTGCACG	GGAAGTCCTT	CTGCGGCCAT	CGTTGCTATG	GCCGCTTACT
5	70	80	90	100	110	120
	GCCTTCTAGT	CCGTGCGGCT	CTCGCAACAG	CTCACGGGAC	CTTTTTGAGG	ATCGCCACTT
	130	140	150	160	170	180
10	CAGGTCTTCA	ACTCGCGGAT	GCCCTCATTG	GCAACGTTTG	CGCCCTGCCT	TGGGGCGGCC
	190	200	210	220	230	240
	GGCAGCCACC	AAGTCGAGCA	CTTTGCGGCG	GAAGTACTCG	GGGTAACACT	TCGGCAGCGA
	250	260	270	280	290	300
15	CACGGCTCGT	TCGACGGACG	TCGTGACCAG	AAGTCGAGCA	AACCGACTCC	ACTCTAGCTA
	310	320	330	340	350	360
	GTGATACAAG	CTTTTTTGTA	GCCGCGCGAT	GAACCGCCCC	GGCATGTCCG	GAGACTCCAG
	370	380	390	400	410	420
20	TTCTTGAAA	GGATGGGGTC	ATGTCAGGTG	GTTTCATCGAG	GAGGTACCCG	CCGGAGCTGC
	430	440	450	460	470	480
	GTGAGCGGGC	GGTGCGGATG	GTCGCAGAGA	TCCGCGGTCA	GCACGATTCTG	GAGTGGGCAG
	490	500	510	520	530	540
25	CGATCAGTGA	GGTCGCCCCG	CTACTTGGTG	TTGGCTGCGC	GGAGACGGTG	CGTAAGTGGG
	550	560	570	580	590	600
	TGCGCCAGGC	GCAGGTTCGAT	GCCGGCGCAC	GGCCCGGGAC	CACGACCGAA	GAATCCGCTG
	610	620	630	640	650	660
30	AGCTGAAGCG	CTTAGCGGCG	GGACAACGCC	GAATTGCGAA	GGGCGAACGC	GATTTTAAAG
	670	680	690	700	710	720
	ACCGCGTCGG	CTTCTTCGCG	GGCCGAGCTC	GACCGGCCAG	CACGCTAATT	AACGGTTCAT
	730	740	750	760	770	780
35	CGCCGATCAT	CAGGGCCACC	GCGAGGGCCC	CGATGGTTTG	CGGTGGGGTG	TCGAGTCGAT
	790	800	810	820	830	840
	CTGCACACAG	CTGACCGAGC	TGGGTGTGCC	GATCGCCCCA	TCGACCTACT	ACGACCACAT
40	850	860	870	880	890	900
	CAACCGGGAG	CCCAGCCGCC	GCGAGCTGCG	CGATGGCGAA	CTCAAGGAGC	ACATCAGCCG

45

50

55

	910	920	930	940	950	960
5	CGTCCACGCC	GCCAACTACG	GTGTTTACGG	TGCCCCGCAA	GTGTGGCTAA	CCCTGAACCG
	970	980	990	1000	1010	1020
	TGAGGGCATC	GAGGTGGCCA	GATGCACCGT	CGAACGGCTG	ATGACCAAAC	TCGGCCTGTC
	1030	1040	1050	1060	1070	1080
10	CGGGACCACC	CGCGGCAAAG	CCCGCAGGAC	CACGATCGCT	GATCLGGCCA	CAGCCCCTCC
	1090	1100	1110	1120	1130	1140
	CGCCGATCTC	GTCCAGCGCC	GCTTCGGACC	ACCAGCACCT	AACCGGCTGT	GGGTAGCAGA
	1150	1160	1170	1180	1190	1200
15	CCTCACCTAT	GTGTCGACCT	GGGCAGGGTT	CGCCTACGTG	GCCTTTGTCA	CCGACGCCTA
	1210	1220	1230	1240	1250	1260
	CGCTCGCAGG	ATCCTGGGCT	GGCGGGTCGC	TTCCACGATG	GCCACCTCCA	TGGTCCTCGA
	1270	1280	1290	1300	1310	1320
20	CGCGATCGAG	CAAGCCATCT	GGACCCGCCA	ACAAGAAGGC	GTACTCGACC	TGAAAGACGT
	1330	1340	1350	1360	1370	1380
	TATCCACCAT	ACGGATAGGG	GATCTCAGTA	CACATCGATC	CGGTTGAGCG	AGCGGCTCGC
	1390	1400	1410	1420	1430	1440
25	CGAGGCAGGC	ATCCAACCGT	CGGTCCGAGC	GGTCGGAAGC	TCCTATGACA	ATGCACTAGC
	1450	1460	1470	1480	1490	1500
	CGAGACGATC	AACGGCCTAT	ACAAGACCGA	GCTGATCAAA	CCCGGCAAGC	CCTGGCGGTC
	1510	1520	1530	1540	1550	1560
30	CATCGAGGAT	GTCGAGTTGG	CCACCGCGCG	CTGGGTCGAC	TGGTTCAACC	ATCGCCGCCT
	1570	1580	1590	1600	1610	1620
	CTACCAGTAC	TGCGGCGACG	TCCCGCCGGT	CGAACTCGAG	GCTGCCTACT	ACGCTCAACG
35	1630	1640	1650	1660	1670	1680
	CCAGAGACCA	GCCGCCGGCT	GAGGTCTCAG	ATCAGAGAGT	CTCCGGACTC	ACCGGGGCGG
	1690	1700	1710	1720	1730	1740
	TTCACGATTG	GGCCGCCGTA	AGGAATGCGT	CATGAGCGAC	TTCGCATCAC	GGGCGACCAA
40	1750	1760	1770	1780	1790	1800
	TCATTAATTT	GTCAAACCTT	TTGAGATGCA	CTACTTGTCC	ACATTTTGTA	CACGAAATAC
	1810	1820	1830	1840	1850	1860
	CTAACACACT	ATGGTGCACA	TCACGCACTT	CCACGTTCGG	TATTCGGTGT	ACGATTTGTC
45	1870	1880				
	ACGCAACTAA	GCGTTCAAGA	GGGAGT			

50

55

FIGURES 1 ET 2

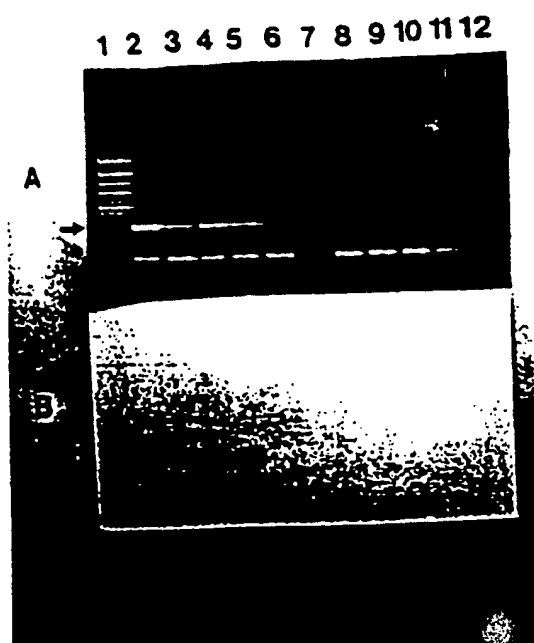


Figure 1

1 2 3 4 5



Figure 2

FIGURES 3 ET 4

FIGURE 3

M 1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11

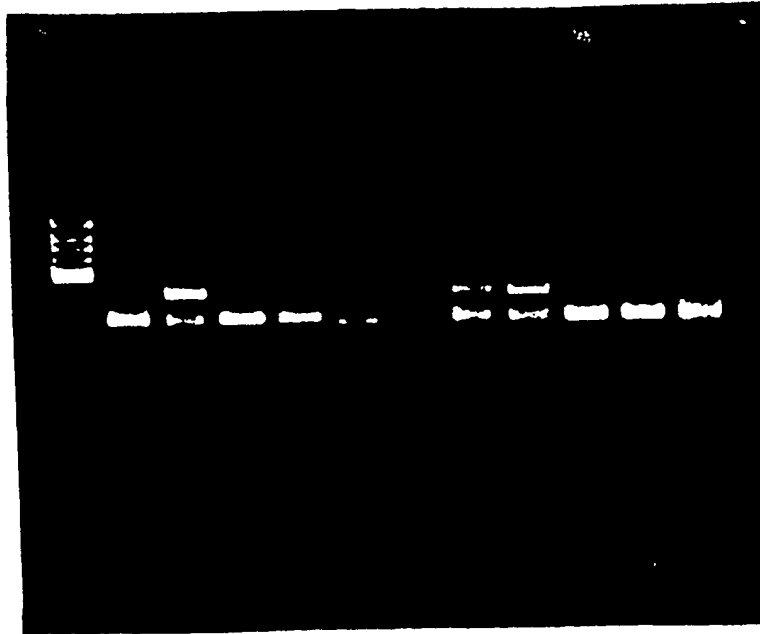


FIGURE 4

M 1 2 3 4 5 6 7 8 M

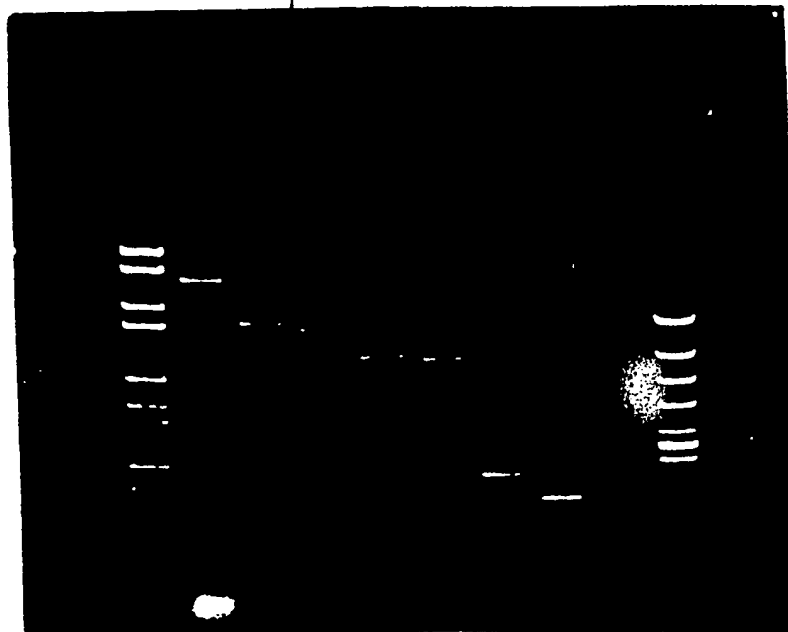


FIGURE 5



FIGURE 6

10	20	30	40	50	60
GTCGACACGC	CTTCTGCACG	<u>GGAAGTCCTT</u>	CTGCGGCCAT	CGTTGCTATG	GCCGCTTACT
70	80	90	100	110	120
GCCTTCTAGT	CCGTGCGGCT	CTCGCAACAG	CTCACGGGAC	CTTTTGTAGG	ATCGCCACTT
130	140	150	160	170	180
CAGGTCCTCA	ACTCGCGGAT	GCCCTCATTG	GCAACGTTTG	CGCCCTGCCT	TGGGCGGGCC
190	200	210	220	230	240
GGCAGCCACC	AAGTCGAGCA	CTTTGCGGCG	GAACTACTCG	GGTAACACT	TCGGCACGGA
250	260	270	280	290	300
CACGGCTCGT	TCGACGGACG	TCGTGACCAG	<u>AAGTCGAGCA</u>	AACCGACTCC	ACTCTAGCTA
310	320	330	340	350	360
GTGATACAAG	CTTTTGTGTA	GCCGCGCGAT	GAACCGCCCC	GGCATGTCCG	GAGACTCCAG
370	380	390	400	410	420
TTCTTGGAAA	GGATGGGGTC	ATGTCAGGTG	GTTCAATCGAG	GAGGTACCCG	CCGGAGCTGC

FIGURE 6 - SUITE 1

430	440	450	460	470	480
GTGAGCGGGC	GGTGCGGATG	GTCGCAGAGA	TCCGCGGTCA	GCACGATTCC	GAGTGGGCAG
490	500	510	520	530	540
CGATCAGTGA	GGTCGCCCCGT	CTACTTGGTG	TTGGCTGCGC	GGAGACGGTG	CGTAAGTGGG
550	560	570	580	590	600
TGCGCCAGGC	GCAGGTCGAT	GCCGGCGCAC	GGCCCGGGAC	CACGACCGAA	GAATCCGCTG
610	620	630	640	650	660
AGCTGAAGCG	CTTAGCGGCG	GGACAACGCC	GAATTGCGAA	GGGCGAACGC	GATTTTAAAG
670	680	690	700	710	720
ACCGCGTCGG	CTTTCTTCGC	GGCCGAGCTC	GACCGGCCAG	CACGCTAATT	AACGGTTCAT
730	740	750	760	770	780
CGCCGATCAT	CAGGGCCACC	GCGAGGGCCC	CGATGGTTTG	CGGTGGGGTG	TCGAGTCGAT
790	800	810	820	830	840
CTGCACACAG	CTGACCGAGC	TGGGTGTGCC	GATCGCCCCA	TCGACCTACT	ACGACCACAT

FIGURE 6 - SUITE 2

850	860	870	880	890	900
CAACCGGGAG	CCCAGCCGCC	GCGAGCTGCG	CGATGGCGAA	CTCAAGGAGC	ACATCAGCCG
910	920	930	940	950	960
CGTCCACGCC	GCCAACTACG	GTGTTTACGG	TGCCCGCAAA	GTGTGGCTAA	CCCTGAACCG
970	980	990	1000	1010	1020
TGAGGGCATC	GAGGTGGCCA	GATGCACCGT	CGAACGGCTG	ATGACCAAAC	TCGGCCTGTC
1030	1040	1050	1060	1070	1080
CGGGACCACC	CGCGGCAAAG	CCCGCAGGAC	CACGATCGCT	GATCCGGCCA	CAGCCCGTCC
1090	1100	1110	1120	1130	1140
CGCCGATCTC	GTCCAGCGCC	GCTTCGGACC	ACCAGCACCT	AACCGGCTGT	GGGTFGCAGA
1150	1160	1170	1180	1190	1200
CCTCACCTAT	GTGTCGACCT	GGCAGGGTT	CGCCTACGTG	GCCTTTGTCA	CCGACGCCTA

FIGURE 6 - SUITE 3

1210	1220	1230	1240	1250	1260
CGCTCGCAGG	ATCCTGGGCT	GGCGGGTCGC	TTCCACGATG	GCCACCTCCA	TGGTCCTCGA
1270	1280	1290	1300	1310	1320
B					
CGCGATCGAG	CAAGCCATCT	GGACCCGCCA	ACAAGAAGGC	GTACTCGACC	TGAAAGACGT
1330	1340	1350	1360	1370	1380
C	D				
TATCCACCAT	ACGGATAGGG	GATCTCAGTA	CACATCGATC	CGGTTCAGCG	AGCGGCTCGC
1390	1400	1410	1420	1430	1440
CGAGGCAGGC	ATCCAACCGT	CGGTCGGAGC	GGTCGGGAAGC	TCCTATGACA	ATGCACTAGC
1450	1460	1470	1480	1490	1500
CGAGACGATC	AACGGCCTAT	ACAAGACCGA	GCTGATCAAA	CCCGGCAAGC	CCTGGCGGTC
1510	1520	1530	1540	1550	1560
CATCGAGGAT	GTCGAGTTGG	CCACCGGCGG	CTGGGTCGAC	TGGTTCAACC	ATCGCCGCCT

FIGURE 6 - SUITE 4

1570	1580	1590	1600	1610	1620
CTACCAGTAC	TGCGGCGACG	TCCCGCCGGT	CGAACTCGAG	GCTGCCCTACT	ACGCTCAACG
1630	1640	1650	1660	1670	1680
CCAGAGACCA	GCCGCGGGCT	GAGGTCTCAG	ATCAGAGAGT	CTCCGGACTC	ACCGGGGCGG
1690	1700	1710	1720	1730	1740
TTCACGATTG	GGCCGCCCGTA	AGGAATGCGT	CATGAGCGAC	TTCGCATCAC	GGGCGACCAA
1750	1760	1770	1780	1790	1800
TCATTAAATT	GTCAAACCCT	TTGAGATGCA	CTACTTGTC	ACATTTTGTA	CACGAAATAC
1810	1820	1830	1840	1850	1860
CTAACACACT	ATGGTGACAC	TCACGCACTT	CCACGTTCCG	TATTCGGTGT	ACGATTGTGC
1870	1880				
ACGCAACTAA	GGTTCAAGA	GGGAGT			

FIGURE 7

10 20 30 40 50 60 70 80 90 100
 GTCGACACGCCCTTCTGACACGGGAAGTCCTTCTGCGGGCCATCGTTGCTATGGCCCGCTTACTGCCCTTCTAGTCCGTGCGGGCTCTCGCAACAGCTCACGGGAC
 ACCI HINDII XMNI FNU4HI EAEI EAEI FNU4HI ALUI AFLI
 SALI HAEIII HAEIII FNU4HI SAU96A
 TAQI
 110 120 130 140 150 160 170 180 190 200
 CTTTTTGAGGATCGCCACTTCAGGTCTTCAACTCGGGATGCCCTCATTTGGCAACGTTTGGCGCCCTGCCCTTGGGGCGGGCGGCAGCCACCAAGTCGAGCA
 MNLI MBOII ACCII MNLI CFOI STYI FNU4HI BBVI TAQI
 SAU3A FOKI SFANI EAEI FNU4HI BSP1286
 HAEIII HAEIII HAEIII HAPII
 NAEI

FIGURE 7 - SUITE 1

```

210      220      230      240      250      260      270      280      290      300
CTTTGCGGCGGAACTACTCGGGGTAACTTCGGCACGACACGGCTCGTTCGACGGACGTCGTGACCAAGGTCGAGCAACCGACTCCACTCTAGCTA
FNU4HI      AVAI      MAEIII      TAQI      AATII      MAEIII      HINFI      MAEI      ALUI      MAEI
                                     AHAI

310      320      330      340      350      360      370      380      390      400
GTGATACAAAGCTTTTGTAGCCCGCGGCGGATGAACCGCCCGGCATGTCCGGAGACTCCAGTTCTTGAAAGGATGGGGTCATGTCAAGGTGGTTCAATCGAG
HINDIII      FNU4HI      NCII      NLAI      ACCIII      HINFI      FOKI      NLAI      TAQI      MNLI
ALUI      ACCII      SCRFI      HAPII      HAPII      HAPII      HAPII      HAPII      HAPII      HAPII
                                     CFOI      ACCII
                                     ACCII

410      420      430      440      450      460      470      480      490      500
GAGGTACCCCGGAGCTGCGTGAGCGGGCGGTGCGGATGGTCCGAGAGATCCGGCGGTGAGCACGATTCGGAGTGGGCGAGCGGATCAGGTGAGGTGCGCCCGT
MNLI      HAPII      FOKI      XHOII      SAU3A      HINFI      BBVI      SAU3A      MNLI      ACCI
BANI      ALUI      BBVI      FNU4HI
KPNi      FNU4HI
RSAl

```

FIGURE 7 - SUITE 2

```

510      CTACTTGGTGTGGCTGCGCGGAGACGCGTGCCTAAGTGGGTGCGCCAGCGCGCAGGTCGATGCGCGGCACGCGCCCGGGACCGACCGAAGAAATCCGCTG
520      ~~~~~
530      ~~~~~
540      ~~~~~
550      ~~~~~
560      ~~~~~
570      ~~~~~
580      ~~~~~
590      ~~~~~
600      ~~~~~

      BBVI      MBOII      ESPI
      FNU4HI      HINFI      DDEI
      CFOI
      ACCII

      CFOI      CFOI      TAQI      NAEI      HAEIII      SAU96A      AVAI      NCII      SCRFI      SMAI      HAPII      NCII      SCRFI      AFLI      SAU96A
      ECORII      SFANI      CFOI      SAU96A
      SCRFI      HAPII

      ACCII      AHAI    ACCII      MBOII      EAEI      BANII      HAPII
      ECO47III      FNU4HI      ACCII      BSP1286      EAEI
      HAEII      CFOI      FNU4HI      ALUI      HAEIII
      XMAIII      TAQI
      ESPI      HAEIII
      DDEI      HGIAI
              SACI

```


FIGURE 7 - SUITE 3

```

710      720      730      740      750      760      770      780      790      800
CAGGCTAATTAAAGGGTTTCATCGCCGATCATCAGGGCCACCCGCGAGGGCCCCGATGGTTTCCGGTGGGGTGTGCGAGTCTGACACACAGCTGACCCGAGC

SAU3A      SAU96A ACCII HAEIII
HAEIII      MNLI
APAI
BANII
BSP1286
SAU96A
SAU96A

810      820      830      840      850      860      870      880      890      900
TGGGTGTGCGGATCGCCCAATCGACCTACTACGACCAACATCAACCGGGAGCCCAAGCCGCGAGCTGCGCGATGGCGAACTCAAGGAGCACATCAGCCG

PVUI      TAQI
SAU3A

HAPII      ALUI ACCII
NCII      FNU4HI BBVI
SCRFI      ACCII CFOI
BANII      FNU4HI
BSP1286

FNU4HI      FNU4HI
BSP1286      HGIAI
ACCII      HGAI

910      920      930      940      950      960      970      980      990      1000
CGTCCACGCGCCAACTACGGTGTTCACGGTGTGCCCCGCAAGTGTGGCTAACCCCTGAACCGTGAGGGCAATCGAGGTGGCCAGATGCACCCGTCGAACGGCTG

FNU4HI      BANI
BSP1286

MNLI      TAQI      BALI      SFANI      TAQI
SFANI      EAEI
MNLI      HAEIII

```

FIGURE 7 - SUITE 4

1010 1020 1030 1040 1050 1060 1070 1080 1090 1100
 ATGACCAAACCTCGGCCTGTCCGGGACCAACCCCGCGGCAAGCCCGCAGGACCAACGATCGCTGATCCGGGCCACAGCCCGGTCCCGCGGATCTCGTCCAGCGCC
 HAEIII HAPII HAPII HAPII HAPII HAPII HAPII HAPII HAPII HAPII
 NCII ACCII ACCII ACCII ACCII ACCII ACCII ACCII ACCII ACCII
 SCRFI FNU4HI FNU4HI FNU4HI FNU4HI FNU4HI FNU4HI FNU4HI FNU4HI FNU4HI
 AFLI SAU96A AFLI PVUI SAU3A HAPII EAEI HAEIII SAU3A HAEII CFOI FNU4HI
 SAU96A

1110 1120 1130 1140 1150 1160 1170 1180 1190 1200
 GCTTCGGACCAACGACACCTAAACCGGCTGTGGGTAGCAGACCTCACCTATGTGTGACCTGGGACGGGTTCCGCTACGTGGCCCTTTGTACCCGACGCGCTA
 AFLI SAU96A HAPII HAPII HAPII HAPII HAPII HAPII HAPII HAPII HAPII
 HAPII HAPII HAPII HAPII HAPII HAPII HAPII HAPII HAPII HAPII
 MCLI HPFI HPFI HPFI HPFI HPFI HPFI HPFI HPFI HPFI
 ACCI ECORII BGLI HAEIII MAEIII HPFI AHAI HPFI
 HINDII SALI SCRFI TAQI

1210 1220 1230 1240 1250 1260 1270 1280 1290 1300
 CGCTCGCAGGATCCTGGGCTGGCGGCTGCTTCCACGATGGCCACCTCCATGGTCTCGACCGGATCGAGCAAGCCATCTGGACCCCGCCACACAAAGAGGC
 BAMHI XHOII SAU3A ECORII SCRFI
 BALI MNLI AFLI TAQI PVUI AFLI SAU96A
 EAEI NCOI MNLI ACCII
 HAEIII STYI HGAI SAU3A
 BSTXI NLAIH SAU96A
 TAQI

FIGURE 7 - SUITE 5

1310 1320 1330 1340 1350 1360 1370 1380 1390 1400
 GTACTCGACCTGAAAGCGTTATCCACCATACGGATAGGGGATCTCAGTACACATCGATCCGGTTCAGCGAGCGGCTCGCCGAGGCAGGCATCCCAACCGT
 RSAI TAQI
 XHOII RSAI CLAI HAPII FNU4HI MNLI SFANI
 SAU3A DDEI SAU3A FOKI
 1410 1420 1430 1440 1450 1460 1470 1480 1490 1500
 CGGTCCGAGCGGTGCGAAGCTCCTATGACAATGCACTAGCCGAGACGATCAACGGCCTATATACAAGACCGAGCTGATCAAAACCCGGCAAGCCCTGGCGGTC
 ALUI MAEI SAU3A HAEIII ALUI BCLII SCRFI ECORII
 SAU3A HAPII SAU3A HAPII SAU96A
 1510 1520 1530 1540 1550 1560 1570 1580 1590 1600
 CATCGAGGATGTCGAGTTGGGCCACCGCGCGTGGGTGCGACTGGTTCAACCATCGCGCGCTCTTACCAGTACTGCGGGCGACGTCCCGCGGTCGAACTCGAG
 TAQI TAQI BALI ACCII ACCI FNU4HI SCAI FNU4HI HAPII AVAI
 MNLI EAEI BSHII HINDII MNLI RSAT AATII TAQI SEXI
 FOKI HAEIII CFOI SALI AHAI TAQI
 ACCII TAQI MNLI
 CFOI

28

[illegible]



Office européen
des brevets

RAPPORT DE RECHERCHE EUROPEENNE

Numero de la demande

EP 91 40 1501

DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS			
Catégorie	Citation du document avec indication, en cas de besoin, des parties pertinentes	Revendication concernée	CLASSEMENT DE LA DEMANDE (Int. Cl.5)
P,A	WO-A-9 010 085 (COGENT LTD)(07-09-1990) * Le document entier *	8,10,12	C 12 Q 1/68 C 12 P 19/34 C 07 H 21/04 // C 12 N 15/11
D,P A	NUCLEIC ACIDS RESEARCH, vol. 18, no. 1, 11 janvier 1990, page 188, Oxford University Press; D. THIERRY et al.: "IS6110, an IS-like element of Mycobacterium tuberculosis complex" * Article en entier *	8,10,12	
P,A	FR-A-2 651 505 (INSTITUT PASTEUR)(08-03-1991) * Le document entier *	2,6,7, 10-12	
A	JOURNAL OF GENERAL MICROBIOLOGY, vol. 135, no. 9, septembre 1989, pages 2347-2355, Society for General Microbiology; Z.F. ZAINUDDIN et al.: "Polymorphic repetitive DNA sequences in Mycobacterium tuberculosis detected with a gene probe from a Mycobacterium fortuitum plasmid" * Article en entier, particulièrement la discussion *	8,10,12	
D,A	JOURNAL OF CLINICAL MICROBIOLOGY, vol. 28, no. 3, mars 1990, pages 513-518, American Society for Microbiology; R.J. PATEL et al.: "Sequence analysis and amplification by polymerase chain reaction of a cloned DNA fragment for identification of Mycobacterium tuberculosis" --- -/-	2,6,7	
Le présent rapport a été établi pour toutes les revendications			
Lieu de la recherche LA HAYE		Date d'achèvement de la recherche 19-09-1991	Examinateur OSBORNE H.H.
<p>CATEGORIE DES DOCUMENTS CITES</p> <p>X : particulièrement pertinent à lui seul Y : particulièrement pertinent en combinaison avec un autre document de la même catégorie A : arrière-plan technologique O : divulgation non-écrite P : document intercalaire</p> <p>T : théorie ou principe à la base de l'invention E : document de brevet antérieur, mais publié à la date de dépôt ou après cette date D : cité dans la demande L : cité pour d'autres raisons & : membre de la même famille, document correspondant</p>			

EPO FORM 150 (01/82) (POM2)



Office européen
des brevets

RAPPORT DE RECHERCHE EUROPEENNE

Numero de la demande

EP 91 40 1501

DOCUMENTS CONSIDERES COMME PERTINENTS			
Catégorie	Citation du document avec indication, en cas de besoin, des parties pertinentes	Revendication concernée	CLASSEMENT DE LA DEMANDE (Int. Cl.5)
A	INTERNATIONAL JOURNAL OF LEPROSY, vol. 56, no. 4, décembre 1988, pages 592-598, US; P.P. REDDI et al.: "Repetitive DNA sequence of Mycobacterium tuberculosis: analysis of differential hybridization pattern with other mycobacteria" * Article en entier * -----	8,10,12	
			DOMAINES TECHNIQUES RECHERCHES (Int. Cl.5)
Le présent rapport a été établi pour toutes les revendications			
Lieu de la recherche LA HAYE		Date d'achèvement de la recherche 19-09-1991	Examineur OSBORNE H. H.
<p>CATEGORIE DES DOCUMENTS CITES</p> <p>X : particulièrement pertinent à lui seul Y : particulièrement pertinent en combinaison avec un autre document de la même catégorie A : arrière-plan technologique O : divulgation non-écrite P : document intercalaire</p> <p>T : théorie ou principe à la base de l'invention E : document de brevet antérieur, mais publié à la date de dépôt ou après cette date D : cité dans la demande L : cité pour d'autres raisons & : membre de la même famille, document correspondant</p>			

EPO FORM 1503 (3.82) (P0402)